Secuenciación: la nueva gran revolución en el diagnóstico fitopatológico

La secuenciación genética tiene un elevado potencial para ser el motor en la aceleración del desarrollo de nuevos avances en la sanidad y genética vegetal. La secuenciación se define como la lectura de cada letra del material genético presente en una muestra para su estudio. Esta técnica permite llevar la detección de patógenos a una mayor escala, en un menor tiempo y con alta reducción económica en los análisis, democratizando su alcance a todos los agentes de los sectores AGRO.

Después de la revolución de la aplicación de la **PCR a la sanidad vegetal**, llega una segunda ola tecnológica de la mano de la **secuenciación genética o secuenciación masiva (Next Generation Sequencing, NGS).** El desarrollo de estas tecnologías ha sufrido un boom extraordinario en la última década. Éste ha sido tanto cuantitativo como cualitativo, pero además ha ido de la mano de un abaratamiento constante de estos análisis. De este modo, las aplicaciones de la secuenciación masiva pueden estar a la mano de todos los agentes del sector agrario.

Una de las importantes revoluciones de la secuenciación masiva en los últimos años es el desarrollo de nuevas plataformas de secuenciación más fáciles de manejar, con una mayor escalabilidad y que permiten precios asequibles. Gracias a este bajo coste, herramientas punteras de análisis genético que antes eran accesibles a pocos, se pueden materializar en servicios con un elevadísimo potencial para solucionar problemas fitosanitarios.

En ValGenetics estamos desarrollando múltiples aplicaciones diagnósticas, microbiológicas y genéticas, basadas en el uso de la secuenciación masiva, con tres objetivos: aumentar la sensibilidad y fiabilidad del diagnóstico, acelerar la entrega de los resultados de las analíticas y dar un servicio más económico.

Centrándonos en el diagnóstico fitopatológico, comparada con la tecnología PCR, la secuenciación masiva permite en un solo análisis: (a) Identificar los distintos patógenos que infectan una muestra, (b) Descubrir nuevas especies fitopatogénicas (c) Dar solución a aquellas muestras en las que se observan síntomas, pero no se sospecha de ningún patógeno en concreto. Además, la aplicación del análisis fitopatológico, mediante secuenciación masiva, es decisiva cuando los requisitos fitosanitarios de algunos países solicitan el análisis obligado de distintos organismos fitopatógenos para la exportación de plantas. Algunos de estos organismos fitopatógenos nunca han sido secuenciados por lo que no existe ningún sistema PCR capaz de detectarlos. Las metodologías PCR se diseñan sobre las secuencias del genoma del patógeno a detectar, por lo que es imposible desarrollar un método de PCR si no existen secuencias disponibles. En estos casos, las técnicas que está desarrollando ValGenetics, basadas en la secuenciación directa del genoma de los organismos fitopatógenos presentes en la muestra,

es la única metodología
que permite revelar la presencia o ausencia de una especie fitopatógena, ya que no se requiere conocer su secuencia genética
para poder detectarla.

Además, cuando nos enfrentamos a una exportación, la legislación puede incluir numerosos organismos fitopatógenos
de obligado análisis para una única muestra. La ventaja del análisis de secuenciación masiva en este contexto, es
su potencial de multiplexaje. Esto es, la posibilidad de detectar en un único análisis distintos tipos de organismos fitopatógenos,
reduciendo el coste total sin perder la especificidad ni la sensibilidad del análisis.

En ValGenetics estamos seguros de que la aplicación de las técnicas de secuenciación masiva es el futuro de la sanidad vegetal y por ello hacemos de ella nuestro presente.

Artículos publicado en la revista ECA FRUITS ED. 16